

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ *FELIS CATUS* L. ВОСТОЧНОЙ ЧАСТИ БЕЛАРУСИ

Е.В. Меженикова, магистрант

Научный руководитель – А.В. Крук, к.б.н., доцент

Гомельский Государственный университет имени Франциска Скорины

Известно, что генетическая структура популяции любого вида является результатом протекавших и протекающих внутри ее микроэволюционных процессов и не меняется с течением времени [1, с. 58].

Все цветовые вариации, кроме серого полосатого (дикий тип), в окрасе меха у кошек *F. catus* обусловлены мутациями в генах, контролирующих процесс пигментогенеза и миграции меланоцитов в волосяные фолликулы. Частоты встречаемости мутантных и нормальных аллелей генов окраса характерны для каждой популяции и отражают их генетические структуры. В настоящее время аллельные частоты по генам окраса меха домашних кошек описаны практически для всех развитых стран [2, с. 166]. В этой связи исследование, направленное на изучение генетической структуры популяций *F. catus* на территории Беларуси является крайне актуальным.

Целью данной работы было установить генетическую структуру и оценить уровень дифференциации популяций *F. catus* на территории восточной Беларуси.

Методы исследования

Материал для популяционно-генетического анализа был собран в 7 городах (Могилёв, Шклов, Чаусы, Славгород, Костюковичи, Кричев, Горки).

Основным методом исследования было визуальное типирование характера и окраски шерстного покрова животных, встреченных на улицах, во дворах домов, в парках, скверах и т.п. Для каждой кошки был составлен индивидуальный генетический портрет.

В каждой популяции домашних кошек были исследованы частоты мутантных аллелей сцепленного с полом локуса Orange – доминантный аллель O, а также 6 аутосомных локусов (Agouti – рецессивный аллель a, Dilute – рецессивный аллель d, Long hair – рецессивный аллель l, Piebald spotting – доминантный аллель S, White – доминантный аллель W, Tabby – рецессивный аллель t^b). Все мутантные аллели, за исключением аллеля l, влияют на окраску шерстного покрова и характер его распределения. Аллель l в гомозиготном состоянии определяет длинную шерсть.

Фенотипическое проявление аллелей, их взаимодействие и полный расчет аллельных частот детально описаны ранее в специальных руководствах [3, с. 234], [4, с. 73].

Для оценки генетической структуры были рассчитаны частоты встречаемости нормальных и мутантных аллелей окраса и структуры меха в каждой из 7 исследованных белорусских популяций. Аллельные частоты по 6 аутосомным и одному сцепленному с полом генам в популяциях *F. catus* приведены в таблице.

Таблица – Аллельные частоты по 7 генам окраса и структуры меха в популяциях *F. catus* 7 исследованных городов

Популяция	Размер выборки	Частота мутантного аллеля						
		a	t^b	d	l	S	W	O
Могилёв	212	0,705	0,134	0,399	0,470	0,331	0,026	0,179
Шклов	111	0,766	0,194	0,374	0,569	0,233	0,018	0,192
Чаусы	181	0,729	0,104	0,461	0,530	0,234	0,019	0,227
Славгород	142	0,774	0,176	0,368	0,475	0,254	0,007	0,154
Костюковичи	121	0,728	0	0,429	0,454	0,205	0,029	0,175
Кричев	250	0,787	0	0,311	0,616	0,175	0,024	0,191
Горки	134	0,677	0	0,354	0,546	0,224	0,023	0,250

Результаты исследований показали, что высокие значения частоты встречаемости характерны для мутантного аллеля **a**. Их значения в исследованных популяциях Беларуси варьировали от 68 до 79 %. Мутантные аллели **d** и **l** характеризовались средним значением частот встречаемости, поскольку в большинстве исследованных популяций имели величины от 30 до 62 %. Все остальные исследованные аллели (**t^b**, **S**, **W**, **c^s**, **O**) имели минимальные значения. Мутантный аллель **t^b** локуса Tabby встречался с относительно низкой частотой и в некоторых городах (Костюковичи, Кричев, Горки) полностью отсутствовал.

В ходе проведенной работы были получены следующие результаты:

1. Составлены генетические портреты особей *F. catus*, обитающих на востоке Беларуси.
2. Определена генетическая структура популяций *F. catus* по семи генам окраса и структуре шерсти.
3. Произведён сравнительный анализ генетической структуры популяций *F. catus* в семи городах Могилевской области.

Список использованных источников

1. Московкина, Н.Н., Генетика и наследственные болезни собак и кошек. / Н. Н. Московкина, М. Н. Сотская. – М.: Аквариум ЛТД, 2000. – 448 с.
2. Гончаренко, Г.Г. Уровень генетической дифференциации у кошек *Felis catus* (L.) в западно-европейских, североамериканских и восточноевропейских популяциях / Г.Г. Гончаренко, С.А.Зятков // Вавиловский журнал генетики и селекции. – Новосибирск: ИЦиГ СО РАН. –Т. 15, № 3, 2011. – С. 516–523.
3. Robinson, R. Genetics for Cat Breeders / R. Robinson. – Oxford: Pergamon, 1991. – 234 p.
4. Гончаренко, Г.Г. Генетика. Анализ наследственных закономерностей на генах меха кошек *Felis catus* / Г.Г.Гончаренко, С.А. Зятков. – Гомель: ГГУ им. Ф. Скорины, 2007. – 108 с.